```
consensus        g-----a-----------g-c-c----t-ccg-c-a---g--t----c-a--g--cg--ga
US-09-462- 1282  gttGaTctgg
US-09-462- 1282  acgGGtTgctt
US-09-462-   32
consensus        ---g-t----

Alignment score = -5956.00
Scoring matrix:

            1      8      9
     1            319   -6276
     8                  -6276
     9
```

```
consensus        -a--a--g--c--t------a-ga-c-aa--g--a-tt---c--tg-ac-ca---
US-09-462-  794  gtaaTttAgagtAtttAaattatgccTgttagaaTGtgttAagAAcaggcgcAttCagTtc
US-09-462-  794  acttTccAcgtcAccaaAtccaggtgagTagcttgcTGgagaAgAaAgccGcaAgctcTat
US-09-462-    1
consensus        ---t-a--a--a------------t-----tg---a--aa--g--a--c--t--

US-09-462-  855  ggACaaatacgaacccccTTagttatcttGggttCgaccaTGtgCatGtactcgtAtttgc
US-09-462-  855  ctACAcgtccaatttgtttTTgcgcgatcgGacggCtgagtTGatctgGcgCcaaaAacctCt
US-09-462-    1
consensus        -ac--------------tt-------g-----c----tg-c--g--c---a----c-

US-09-462-  916  aaTgtcctgctTGatTtAtTtgAAAAtcagcgAGgGGacagAaTAaaaCtgtgGaataTttaaA
US-09-462-  916  gcTaagtcccGTgcTaaAgtATataAAAtAGCcCGCGGGCGGGCTcAgTATtAcCCCGCGGCTcccA
consensus        ||||||||||||||||||||||||
                 AGCCGCGGGGGGtaAtacTagcCCCGCGGCT
US-09-462-    1  -t------c-tg-t-a-t--aaa-agccgcGGGgg--A-tataaCcccGcggcT---a

consensus        ---t-tg--a-c-------t--c-a--a--g------c-c--------c---t-c-tc----
US-09-462-  977  gtaTgTGtcAtCtaaaaTtacacaAatAcccGcccgcccCacgcgtcatcgttTacTcttat
US-09-462-  977  accTcTGctAaCcccgcTtggcTAtaAatggGttcctCcattcgccgCtggTgtCttcactc

US-09-462- 1038  gaAtaTcCtgcccCAGgcgccgAagGcCtGgGAggtggtacccGgccgaaGgccggaacAaTa
US-09-462- 1038  tgAacTaCgagaCAGagagAagAgaGCgGcGcGAatgttgttaaggCcgCatccGagtccccttAacTt
consensus        --a--t-c----cag----a--g-c-g-ga-------g--c---g-------a-t-

US-09-462- 1099  tGaaTcgagTtatGggcGGGGcccCAcaaTaaAaagaTtccaaTtttggAtaagaACgaatctctt
US-09-462- 1099  gGtcTatgcTatagttgGGGaCgCAAggtTtgcAcctTcaacTtggccAacgacACttccaaGga
consensus        -g--t-----t--g---ggg-c-a---t--a---t----t--a-----g--

US-09-462- 1160  acttTgCttgcagtGcaCGcaaccacttTcCAcGtcaccAAtcCagTgagtagcttGctg
US-09-462- 1160  ttcaTcCacttgaaGacCGgtcggcgacTgCAAGgattgAAgaCtGtTcttggGaaTGaca
consensus        ---t-c-------g--cg------t-ca-g----aa-c-g-t----g--tg--

US-09-462- 1221  GagaagAaagccgcaaAGcCtCtatcTaCCGtccatttGtttTtcgCCgAtcGgaCGgctGA
US-09-462- 1221  GgattcAcctggagccGaCcCgtggTtCCgAcGaAcacacaaTaagacTAcTgtCGaagGA
US-09-462-   32
```

```
> O <
O| |O    IntelliGenetics
> O <

GENALIGN - Multiple Sequence Alignment Program
Release 5.4

Fri 14 Jun 102 11:50:08-PDT

Solution Parameters:

   Nucleic Alphabet   = Identity
   Output line length = 80
   Compress           = Off
   Histogram          = Off
   Randomization      = Off

   AMINO-Res-length   = 2
   DEletion-weight    = 5.00
   LEngth-factor      = 0
   Matching-weight    = 1.00
   NUCLEIC-Res-length = 4
   SPread-factor      = 50

Clustered order of selected sequences:

   1. US-09-462-955-1    (1-1291)
   8. US-09-462-955B-1   (1-1291)
   9. US-09-462-955B-2   (1-31)

Region Alignment: (listed in Clustered order)
```

US-09-462-   1 CgcCaaaAacctcTgcTaagtCccgtgctaagtAtAAatagcgCGcggGggCtAgtatacc
consensus   g--------c--c-a-a--ga-c----------------ga--------g------aa----

US-09-462-   1 CtcgAgcAccggagTcCcgAcTcCgtcctggAgtcAAAAggccacAGattGGCcCAAcgaTtg
US-09-462-   1 gCccGacTcggtTcTcacAcatgtGtggaacCAgaaagGacgtattgtACcAGtACAtcGAg
consensus   -c--g------c---a----------g--c-a--------a-cag-a-a--ga-

US-09-462-   306 tcttGGgaatgdacagghAttcaacCtgGagcgCgAccogTcgtccgacAgaGatAgaacc
consensus   g--------c--c-a-a-ga-c----------------ga--------t---------

US-09-462-   367 tACtgttcgaaggAAacgggTgCTtcctcGagCgCaCgGaGagtcccgdactcgTtcgGag
US-09-462-   367 gAccaaaacgaaAttaatcCTcgatGtaccCagGtgtaatttagagtaTttAaattAtg
consensus   -c--g------c---a----------g--c-a--------a-cag-a-a--ga-

US-09-462-   428 ggCcacgAttggccaaccgatttgctGaggaaccrtgatgAactccgcgCctgagaaccagg
US-09-462-   428 ccCtgttAgaatgttttaagaacaggGcattcagTtcgGAcaaatacGgaaccccttagtta
consensus   -ac--------------a-----t-ct---g--g-c-g------------t--a---a-

US-09-462-   489 cggataccgaaggacgcGTtgtacacggagGcTtcgGtgtggAatggacatggccgctgAA
consensus   --------------gt--------g--t--g---a------------aa

US-09-462-   550 AatccgttccoattccoAtAtCacacaattggcagcttgaagtGctgtctCTgcgAtcgggagagc
US-09-462-   550 AtcagcaaggacagaatagaatAaAacTgtggaatattttaaagtaTGtgttcaTctaAattacaca
consensus   --------------a-a-c------------------tg----t--a-------

US-09-462-   611 cagcggacgatcgCACAaatcctctGgaTAtgcggacgagagAcgagggagacGgGaaGtccgt
US-09-462-   611 ataCcogCCcgCgCCACcgcgCCtatcGtTAcatccttatgaAtatcctgccCAGGccGaagGc
consensus   a------------a-a-c------------------tg----t--a-------

US-09-462-   672 gtttGccaaatatCtCGgactcaAGCCcgActggttcTacAcatgtgtGgaaCcagaaag
US-09-462-   672 cTggGagtgtgctaCcCGGcCgaAgcGCCgGGgaacaaTaTgAAtcgagttatGgggCgGgccca
consensus   --c--c---c-cac--c--g--ta------a------c-gg-g--g-

US-09-462-   733 gAacgtAttgtaCcagTacatcgAgGAccacAAaacgaaaAtTTaatcctcgaTgtACCAgggt
US-09-462-   733 cAataAaagAttCcaTtggataAGaAcgAAtctgttAcTTtgcttgcAcgTGcAcgCAacc

US-09-462-   123 CtGgtgtgctTtcactctgaactacgagacgaaGaagGaagGaAggcggCcGaatcgtgttgTaaggcgcatc
US-09-462-   123 CgGagcTtcggtgaatggacaagatggGcccGctGaAaatcCGttcccatttccatatcacC
consensus   c----g----c------------g-----------a--g---t--c-

US-09-462-   184 gAgTccCttaacttgtcTctatgtCTatagtTtGGgGacgagGttgcacCttcaaActgGCcaac
US-09-462-   184 aAtTggCaagcttgaaGTtgctgtCTgcgaTcgGaAGccaGcgGacgaTcgCaCaatCCtct
consensus   c--g-------c------g------cg--g---t--a-----g--c--g-

US-09-462-   245 GacacctCCaAgGAttCatccacttgaaGAccggtcgtccggCgcgactgcCAAggatgGagagactgt
US-09-462-   245 GgatatgCggaCcGAgacggaggagagacggGAagtccgtGtttgccaaAatatcTcggactcaa
consensus   -a-t--c------gt-----ga---g--g---t--ac---cc---

     1
consensus   -c---g--------t------------g--c-a------g--c-tt---c-

     1
consensus   c---------g--c------------g--------a--g--t-c-tt---c-
```

Fri Jun 14 11:44:32 2002          genalign.rec          Page 1

```
> O <
OI IO   IntelliGenetics
> O <

GENALIGN - Multiple Sequence Alignment Program
Release 5.4

Fri 14 Jun 102 11:44:02-PDT

Solution Parameters:

        Nucleic Alphabet    = Identity
        Output line length  = 80
        Compress            = Off
        Histogram           = Off
        Randomization       = Off

        AMINO-Res-length    = 2
        DELetion-weight     = 5.00
        LEngth-factor       = 0
        Matching-weight     = 1.00
        NUCLEIC-Res-length  = 4
        Spread-factor       = 50

Clustered order of selected sequences:

        1. US-09-462-955-1    (1-1291)
        8. US-09-462-955B-1   (1-1291)

Region Alignment: (listed in Clustered order)
```

```
US-09-462-     1 CgcCAaaAaacctcTgCtaAgTccgtgtcgCtaAgtAtAtAAatagcGCgggGGgGctAgtatTacc
US-09-462-     1 CtcGAgcGAacggagTcCCgACcTcGtcctggAgtcAaAAggccaCGattGGCcAacgaTttg
consensus        C-C-A--A-----------T-C--A-TC------A---A-AA------CG--GG-C-A----T---

US-09-462-    62 CccgcggCgCtcCccaacctctgctaaccccGcttggctaAtAAatggGttccTccaTTcgccg
US-09-462-    62 CtgagGaaacCtgatgaactccgcctcggaaGacccaggcgggAtaccGaagaTgCgTTgtaCa
consensus        C-----G----C-------------------------G------------A---G--T--T---C-

US-09-462-   123 CtGgtgcTTcactctgaactacgagagacGaagGaaGAgcggCgCGCGaaTgttgTgaaggcgcatc
US-09-462-   123 CgGagcttCgggtggaatggacaagatgGGccGCcGCctGAaaatccCGttcccatTtccatatcac
consensus        C-G----T----------------------G---G--------G---------CG------T----C

US-09-462-   184 gAgTccCttaacttgTctatgCTatagTtGGGGAcgagGttGcacctTcaaCtggCCaac
US-09-462-   184 aATTggCagcttgaaCgttgctgtCTcgaTcGGaCgAGccaCGGacgaTcgCAAcaCtCtct
consensus        -A-T--C------GT-----CT------G--G--G---T---AC---CC---

US-09-462-   245 GacacctccAaGGAttCcatccacttgaaGAAccggtcgGcgactgcAAggaTTgaagactgt
US-09-462-   245 GgatatgCgAgACgAgccggagaacggGAagtccgtGtttgcccaAAtatctcggactcaa
consensus        G------C-A-GA--C----------G-------G--------GA-----G---T-----

US-09-462-   306 tCttGggaatgaCaggAttcaacctgGagcCgAcccgtGgttccgacgAacAgAAtAgaGac
US-09-462-   306 gCccGactggttctacAcAatgttggtggaaccAaaaagaacgactatTgtAccAGtAcTcGAg
consensus        -C--G------------G---C--------A---G-----------G----A-CAG-A-A--GA-

US-09-462-   367 tACtgttccgaaggAacgggTgCttctccgagCacgGagtccgactcgtccTggAgtcaAa
US-09-462-   367 gACccaaaacgaaAtttaaTcCTcgatGtaccAcCAGgtaacCTgatGAactccgCctggaaga
consensus        -AC------A------T-CT--G--C-CG-----T--A--A-

US-09-462-   428 ggCcacgAttggcccaacgatttgCtGaggaaccTgatGAactccgCctggaagaccaagg
US-09-462-   428 ccCtgttAgaatgtgttaagaacaggGcattcagTtcgGAcaaataCgaaccccttagtta
consensus        ---C----A-------------------G-------T-----------T--A--A-

US-09-462-   489 cggataccgaagatgcGTtgtacacggaGcttcgGtgAAtggataaagatgggcgctgAA
US-09-462-   489 tcttgggTtcgaccatGTgcatgtactcGtatttGccaAtgcctcgcctgattatttgaaA
consensus        ------------------GT----------A-----G--T--G---A-

US-09-462-   550 AatccgttcccAtttccAtAtCacacaattggcagcttgaagcTtgtcgctTgAtcggagagc
US-09-462-   550 AtcagcaggacagaatAaAActgtggaatatatttaaagtatGtgtcaTctaAattacaca
consensus        A--------------------------------A---A--C------------TG---T--A--

US-09-462-   611 cagCggacCgatcCgCAcaatcctctCggaTAtgcggacagagAcggagAgacgGGaagtccGt
US-09-462-   611 ataCcogcgCCCAcgCcgctatcGTtTAcatctttatgaAtatccctgcccAGGccGaagc
consensus        ---C--------C-CAC----C----G-TA-----------A----------C-GG--G---G-

US-09-462-   672 gTttGccaaatatctCGGaCtcAaGCcCgactggttcTacAcatgtggtcgGaacCaGaaag
US-09-462-   672 cTggGgagtgctacaccCGGcCcgGaGAgCGGgaacaaTaTgaAtcgggaaTgGgGgCggGccca
consensus        --T--G------------C-GG-C--A-GCC-G-----T-T-A------G--C--G--

US-09-462-   733 gAcgtAttGtaaCCagTacatcgAGgAccCAAaacgGaaATtaatcctcgaTGtAccCAggt
US-09-462-   733 cAataAaAGattccaTtggatAAgAAcGaAAtctGttAcTTtgcttgCagTGcACgcCAac
consensus        -A---A-G----C----T-----A-GA-C-AA---G--A-TT------C--TG-AC-CA---

US-09-462-   794 gtaaTttAgagtAtttAaattatgcccTgttagaaGtgttAAgAAcagGgcAttCagttc
US-09-462-   794 acttTccAcgtcAccaAtccaggtgagTagttgctGgagaGaAGAgccGaaGcCtcTat
consensus        ----T--A---A----A-----T-----TG---A-A-G-A-TT---C---TG-AC-CA---

US-09-462-   855 ggAcaaatacgaaccccTTagttatatcttGgggtTCgaccaTGtGtcatGtactcgtatttgcc
US-09-462-   855 ctAcCgtccaattgtttTgcgcgatcgGacggCtgagtTGatctcGgcgGCaaaAacctct
consensus        --AC-------C---TT--G------C---TG---C------A----C-

US-09-462-   916 aargtcctgcCrGaTtAtTtgAAAAtcagcaGGgacagaAaTAaaACtgtGGaatatTtaaA
US-09-462-   916 gcTaagtcccGTGcTaAgTaTAtAAAtagccgcGGGGgctAgTAttACcccocGCcggtCcccA
consensus        --T-----C-G-T-GCTaAgTaTA----A---ocG-G-----A-TA------G----A

US-09-462-   977 gtaTgTgtCAtCtaaatTacaCacAaTaCCcocgCcgcgctatcGgttaCaTCttat
consensus        --||-----||-----|---||-----|---||-----||----||
```

```
US-09-462-  977  accTcTGctAacccgcTtggCtataAatggttcCtccattcgccgTtggTgCtTcactc
consensus        ---T-TG--A-C-----T--C-A---G----C-C--------C---T-C-TC----

US-09-462- 1038  gaAtaTccTtgcccAcGgccgAagGcCtGgGAggtgctacccGgcCgaaGgcgggaacAaTa
US-09-462- 1038  tgAacTaCgagaCAcGagggaAgaGGgcGgcGaatgttgtaagGcCgCatcGgagtcccttaAcTt
consensus        --A--T-C----CAG-----A--G-C-G-GA-------G--C---G-------A-T-

US-09-462- 1099  tGaaTcgagtTtatGggcGcGGGGcGccccAcaaTaaAAagarTtccaTtTtgAtaagaACgaatctgtt
US-09-462- 1099  gGtcTatgcTataGttgGGGaGcgAaggTtgcAccttcaacgacACctccaaGga
consensus        -G--T----T---G----GGG-C-A---T---A---T--T---A---AC-----G--

US-09-462- 1160  acttrgcttgcagtGcacGcaaccacttTcCAcGtcaccAAAtcCaGgTgagtaGctTGctg
US-09-462- 1160  ttcaTcCacttgaaGacCGgtcgcgcgactgCAaGgattgAAagactTGtTcttggGaaTGaca
consensus        ----T-C-----G---G--CG---------T-CA-G-----AA--C-G-T-----G--TG--

US-09-462- 1221  GagaagAaagccgcaaGccCtcTtatcTaccGtcCAttTGtrtTtgccgGAtcGgaGGgcttGA
US-09-462- 1221  GgattcAcctggagccGacCcCgTtggTtCCGDaCgAacaGaaTagagacTActGttCGaagGA
consensus        G-----A--------G-C-C----T-CCG-C-A--G--T----C-A--G--CG---GA

US-09-462- 1282  gttGaTctgg
US-09-462- 1282  acgGgTgctt
consensus        --G-T----
```

Scoring matrix:

```
         1   8
   1  | -- |
   8  | -- |
         | --
        319
```

Alignment score = 319.00